

## 넙치, *Paralichthys olivaceus* 자연 집단과 양식 집단의 유전학적 다양성 비교

정달상 · 노재구<sup>1,\*</sup> · 명정인<sup>1</sup> · 이정호<sup>1</sup> · 김현철<sup>1</sup> · 박철지<sup>1</sup> · 민병화<sup>1</sup> · 하동수<sup>2</sup> · 전창영<sup>3</sup>

국립수산과학원 미래전략과, <sup>1</sup>국립수산과학원 육종연구센터, <sup>2</sup>국립수산과학원 해조류바이오연구소, <sup>3</sup>국립수산과학원 자원조성사업단

**Genetic Variability Comparison of Wild Populations and Cultured Stocks of Flounder *Paralichthys olivaceus* Based on Microsatellite DNA Markers by Dal Sang Jeong, Jae Koo Noh<sup>1,\*</sup>, Jeong In Myeong<sup>1</sup>, Jeong Ho Lee<sup>1</sup>, Hyun Choul Kim<sup>1</sup>, Chul Ji Park<sup>1</sup>, Byung Hwa Min<sup>1</sup>, Dong Soo Ha<sup>2</sup> and Chang Young Jeon<sup>3</sup>** (Future Strategy and Planning Division, NFRDI, Busan 609-705, Korea; <sup>1</sup>Genetics & Breeding Research Center, NFRDI, Gyeongnam 656-842, Korea; <sup>2</sup>Seaweed Research Institute, NFRDI, Jeonnam 530-831, Korea; <sup>3</sup>Fisheries Research Enhancement Center, NFRDI, Busan 609-705, Korea)

**ABSTRACT** Six microsatellite DNA markers were used to investigate the genetic variability between wild populations and cultured stocks of olive flounder *Paralichthys olivaceus*. The average of observed ( $H_o$ ) and expected heterozygosity ( $H_e$ ) ranged from 0.722 to 0.959, and from 0.735 to 0.937, respectively. There was no distinguishable difference between the wild populations and cultured stocks in terms of the observed and expected heterozygosities. However, number of alleles per locus differed markedly between the two fish groups: 19.7 to 21.8 for the wild populations and 12.0 to 14.7 for the cultured stocks. This result gives important information concerning the production of seedling for the improvement of genetic diversity in this species.

**Key words :** Flounder, cultured stock, microsatellite marker, genetic variability

### 서 론

넙치, *Paralichthys olivaceus*는 넙치과 Paralichthyidae 어류로서 한국, 일본, 중국 등의 연안에 분포하며, 성장이 빠르고 육질이 좋아 우리나라와 일본 등에 인기가 많은 어종이다. 1980년대 중반 종묘 생산 기술이 확보됨에 따라 양식 산업으로 자리 잡은 이후 점차 양식 생산량이 증가되어 우리나라 어류 양식 생산량의 약 45%를 차지하고 있는 대표적인 양식 대상종이다(농림수산식품부, 2008).

최근 개체식별이 가능한 microsatellite DNA marker를 이용하여 수산생물집단의 유전학적 다양성 평가, 양식생물의 유전적 다양성 연구, 방류종묘의 유전자 maker 이용 등 활발

한 연구가 진행되고 있다. 넙치에 대한 유전적 연구로는 집단의 유전적 구조(Liu *et al.*, 2005), 친자 감별(Hara and Sekino, 2003; Sekino *et al.*, 2003), 방류 종묘의 유전자 표지(Sekino *et al.*, 2005), 자연 집단과 양식 집단의 유전적 차이(Yoshida *et al.*, 2000; Sekino *et al.*, 2002) 등에 대한 보고가 있으며, 우리나라에서는 종묘 방류를 위한 어미 집단의 유효 크기 평가(정 등, 2006), 방류 해역에서의 넙치 집단의 집단 구조 및 다양성(정과 전, 2008), 양식 집단의 유전적 다양성의 변화(노 등, 2008) 등에 관한 연구가 있다.

일반적으로 양식을 위해 인공적으로 종묘 생산을 위해 사용되는 어미 집단은 자연 집단에 비해 아주 적은 유전자원(gene pool)을 가지고 있으며, 이들 어미로부터 생산된 종묘는 자연 집단과의 비교는 물론이고, 어미 집단보다도 유전자 빈도 및 대립유전자수가 감소하게 된다고 보고되고 있다(Perez-Enrique *et al.*, 1999; Sugaya *et al.*, 1999; Norris

\*교신저자: 노재구 Tel: 82-55-633-1272, Fax: 82-55-633-0891, E-mail: jknoh@nfrdi.go.kr

et al., 2000; Yoshida et al., 2000; Sekino et al., 2002, 2003; Hara and Sekino, 2003; 정 등, 2006; Jeong et al., 2007). 양식 집단의 유전적 다양성 감소 혹은 축소는 환경의 적응력과 병원체에 대한 저항력을 약화시키고, 성장, 생존 등에 부정적인 영향을 미치게 된다고 보고하고 있다(Kincaid, 1983; Allendorf and Ryman, 1987; O'Brien and Evermann, 1989).

현재 우리나라에서 넙치양식의 종묘 생산에 주로 이용되는 어미는 1980년대 중반 이후 한정된 어미 집단으로부터 종묘를 생산하고, 어미로 선발하기를 반복하며 수 세대를 지나온 것으로 추정되기 때문에 이러한 양식 집단의 유전적 다양성은 자연 집단에 비해 크게 낮을 것으로 예상되고 있다. 따라서 본 연구는 우리나라에서 양식되고 있는 양식 집단의 유전적 다양성이 어느 정도인지를 파악하기 위하여 6개의 microsatellite DNA marker를 이용하여 자연 집단과 비교하였다.

### 재료 및 방법

넙치 양식집단의 유전적 다양성을 비교분석하기 위하여 고성(GS), 부안(BA), 추자(CJ)에서 채집된 3개의 자연 집단과 울진(UJ), 완도(WD), 진도(JD)에서 양식되고 있는 양식 집단 등 모두 6개의 집단을 조사하였다.

지역별 자연 집단은 정치망, 자망에서 어획된 것을 무작위로 구입하여 정과 전(2008)과 같은 방법으로 인공종묘 생산 시에 나타나는 무안측의 검은 반점의 유무를 확인하여 반점이 없는 것을 자연 집단으로 분석하였다. 양식 집단은 현지 양식장에서 인공 종묘 생산되어 1년간 양식된 넙치를 분석에 이용하였다. 각 집단별 분석 마리수와 크

기(TL)는 Table 1과 같다.

각 집단별 유전적 다양성을 분석하기 위한 DNA 시료는 현장에서 살아있는 상태에서 크기를 측정한 후, 가슴지느러미의 일부를 채취하여 100% 알코올의 1.5 mL tube에 보관하였다. DNA 추출은 Chelex (Bio-rad, USA)를 이용하였고, microsatellite loci는 Kim et al. (2003) 및 정 등(2006)의 방법에 의해 추출된 6개 (KOP2, KOP9, KOP18, KOP22, KOP26, KOP27)를 사용하였으며 (Table 2), 각 시료의 유전자형은 DNA 염기서열 분석기 (ABI Prism 3100, Applied Biosystems, USA)를 이용하여 분석하였다.

집단별 유전적 다양성을 파악하기 위하여 대립유전자 수(number of allele per locus), 이형접합체율(heterozygosity), PIC (polymorphism information content) 등을 Cervus software를 이용하여 분석하였다. 각 유전자좌의 AMOVA에 의한 Hardy-Weinberg test는 Arlequin software v1.1을 이용하였으며, *F*<sub>st</sub>와 유전적 거리(genetic distance) 등의 분석은 Phylip software를 이용하였다.

### 결 과

본 조사에서 관측된 유전자좌별 대립유전자 수의 범위는 9~27개였으며, 자연 집단인 부안 집단과 고성 집단의 KOP27에서 27개로 가장 많았고 양식 집단인 완도 집단의 KOP9에서 가장 적은 9개를 나타내었다. 양식 집단과 자연 집단으로 구분하여 비교하면 자연 집단에서 16~27개, 양식 집단에서 9~17개의 범위를 나타내어 자연 집단의 대립유전자 수가 양식 집단보다 높게 나타났다. 또한 6개의 유전자좌에 따른 각 집단별 평균대립유전자 수는 자연 집단이 19.7~21.8개, 양식 집단이 12.0~14.7개로 나타나, 자연 집단이 21.1개로 양식 집단의 전체 평균 9.4개보다 높게 나타났다(Table 3).

조사된 집단들의 이형접합체율(Ho: observed heterozygosity)의 범위는 0.722~0.959이었다. 유전자좌별 Ho의 범위는 자연 집단에서 0.755~0.918, 양식 집단에서 0.722~0.959로 자연 집단과 양식 집단 간 차이는 없었다. 그러나 집단별 Ho의 범위는 자연 집단에서 0.852~0.891, 양식 집단에서 0.820~0.848로 나타나, 전체 평균 Ho에서 자연 집

Table 1. Number of samples used in this study

	Location	Number of samples	Mean size (TL, cm ± s.d.)
Wild	Goseong (GS)	90	30.3 ± 6.0
	Buan (BA)	110	40.1 ± 4.2
	Chuja (CJ)	110	52.4 ± 7.2
Cultured	Uljin (UJ)	97	45.6 ± 4.5
	Wando (WD)	93	41.4 ± 1.9
	Jindo (JD)	100	39.4 ± 1.3

Table 2. Primer sequences for microsatellite loci used in this study

Locus	Repeat motif (5'-3')	Annealing temp. (°C)	GenBank accession
KOP2	(CA) <sub>6</sub> CG(CA) <sub>14</sub>	61.4	AY328958
KOP9	(AC) <sub>5</sub> AA(CA) <sub>17</sub> AT(AC) <sub>2</sub> TC(TG) <sub>2</sub> TTT(TG) <sub>9</sub>	55.1	AY328965
KOP18	(TC) <sub>24</sub>	60.3	AY328973
KOP22	(CT) <sub>14</sub> AT(CT) <sub>4</sub>	57.5	AY328977
KOP26	(GT) <sub>5</sub> AT(GT) <sub>5</sub> AA(GA) <sub>4</sub> TT(GA) <sub>3</sub> AA(GA) <sub>5</sub> TT(GA) <sub>6</sub> GTA(GA) <sub>3</sub> GT(GA) <sub>18</sub>	60.8	AY328981
KOP27	(CT) <sub>5</sub> CA(CT) <sub>14</sub>	58.2	AY328982

**Table 3.** Genetic variability of the wild populations and cultured stocks in the olive flounder *Paralichthys olivaceus* at six microsatellite loci

Locus		Wild				Cultured			
		GS	BA	CJ	Mean	UJ	WD	JD	Mean
KOP2	S	90	110	110		97	93	100	
	N(a <sub>e</sub> )	25 (14.7)	24 (12.3)	22 (6.6)	23.7	10 (4.8)	12 (6.3)	13 (7.0)	11.7
	Ho	0.822	0.873	0.900	0.865	0.835	0.882	0.870	0.862
	He	0.937	0.923	0.852	0.904	0.798	0.847	0.862	0.836
	PIC	0.928	0.913	0.834	0.892	0.767	0.825	0.843	0.812
KOP9	S	90	110	110		97	90	100	
	N(a <sub>e</sub> )	19 (12.0)	18 (7.8)	16 (4.9)	17.7	10 (4.3)	9 (3.7)	14 (4.3)	11.0
	Ho	0.911	0.836	0.755	0.834	0.722	0.722	0.780	0.741
	He	0.922	0.876	0.800	0.866	0.771	0.735	0.772	0.759
	PIC	0.911	0.862	0.778	0.850	0.748	0.711	0.748	0.736
KOP18	S	90	110	110		97	90	100	
	N(a <sub>e</sub> )	18 (10.6)	19 (11.0)	17 (11.4)	18.0	15 (6.0)	15 (6.8)	17 (7.1)	15.7
	Ho	0.911	0.882	0.918	0.904	0.856	0.900	0.870	0.875
	He	0.911	0.913	0.917	0.914	0.838	0.857	0.864	0.853
	PIC	0.898	0.902	0.906	0.902	0.816	0.835	0.849	0.833
KOP22	S	90	110	110		97	93	100	
	N(a <sub>e</sub> )	19 (12.2)	20 (11.1)	17 (7.6)	18.7	10 (6.9)	10 (5.6)	12 (7.9)	10.7
	Ho	0.911	0.882	0.809	0.867	0.835	0.806	0.870	0.837
	He	0.923	0.914	0.872	0.903	0.860	0.826	0.877	0.854
	PIC	0.912	0.903	0.857	0.891	0.841	0.803	0.860	0.835
KOP26	S	90	110	110		97	91	97	
	N(a <sub>e</sub> )	23 (9.7)	23 (13.0)	20 (9.4)	22.0	12 (4.8)	16 (6.8)	16 (9.3)	14.7
	Ho	0.900	0.909	0.864	0.891	0.845	0.846	0.876	0.856
	He	0.902	0.927	0.897	0.909	0.794	0.857	0.897	0.849
	PIC	0.889	0.918	0.885	0.897	0.771	0.841	0.884	0.832
KOP27	S	90	110	110		97	93	100	
	N(a <sub>e</sub> )	27 (13.3)	27 (13.2)	26 (7.3)	26.7	12 (7.9)	10 (5.0)	16 (4.3)	12.7
	Ho	0.889	0.891	0.864	0.881	0.959	0.763	0.820	0.847
	He	0.93	0.928	0.867	0.908	0.877	0.806	0.773	0.819
	PIC	0.92	0.919	0.850	0.896	0.860	0.775	0.740	0.792
Average	N(a <sub>e</sub> )	21.8 (12.1)	21.8 (11.4)	19.7 (7.9)	21.1 (10.5)	11.5 (5.8)	12.0 (5.7)	14.7 (6.7)	9.4 (6.1)
	Ho	0.891	0.879	0.852	0.874	0.842	0.820	0.848	0.837
	He	0.921	0.914	0.868	0.901	0.823	0.821	0.841	0.828
	PIC	0.910	0.903	0.852	0.888	0.801	0.798	0.821	0.807

S, sample size; N, number of alleles; a<sub>e</sub>, effective number of alleles; Ho, observed heterozygosity; He, expected heterozygosity; PIC, polymorphism information content.

**Table 4.** Markov chain procedure test (Hardy-Weinberg Equilibrium) in the wild populations and cultured stocks of the olive flounder *Paralichthys olivaceus*

	KOP2	KOP9	KOP18	KOP22	KOP26	KOP27
GS	0.174±0.000	0.648±0.001	0.936±0.000	0.292±0.001	0.684±0.001	0.111±0.000
BA	0.230±0.000	0.106±0.000	0.945±0.000	0.249±0.001	0.408±0.001	0.082±0.000
CJ	0.068±0.000	0.710±0.001	0.784±0.001	0.071±0.000	0.396±0.001	0.586±0.000
UJ	0.000±0.000*	0.005±0.000	0.002±0.000*	0.000±0.000*	0.066±0.001	0.000±0.000*
WD	0.024±0.000	0.101±0.001	0.072±0.001	0.004±0.000*	0.190±0.001	0.071±0.001
JD	0.060±0.001	0.062±0.001	0.817±0.001	0.914±0.001	0.223±0.001	0.603±0.001

\*Significant level at P<0.05.

단에서 0.874로 양식 집단의 0.837로 자연 집단이 약간 높게 나타났다(Table 3).

각 유전자좌에 대한 집단별 Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE)에 따르는 지를 검토하기 위하여 Markov chain pro-

cedure test를 한 결과, 양식 집단인 울진 집단의 KOP2, KOP22, KOP18, KOP27과 양식 집단인 완도 집단의 KOP2, KOP22에서 유의적인 차이(P<0.05)를 보였다. 그러나 각 각의 자연 집단에서는 유의적인 차이 없이 HWE를 따르는

**Table 5.** Pairwise comparison of *Fst* (under) and genetic distance (upper) in the wild populations and cultured stocks of the olive flounder *Paralichthys olivaceus*

	GS	BA	CJ	UJ	WD	JD
GS	–	0.148	0.364	0.554	0.468	0.428
BA	0.012*	–	0.126	0.254	0.206	0.134
CJ	0.038*	0.014*	–	0.060	0.061	0.041
UJ	0.058*	0.029*	0.009*	–	0.151	0.094
WD	0.056*	0.029*	0.008*	0.031*	–	0.071
JD	0.056*	0.025*	0.008*	0.028*	0.011*	–

\*Significant level at  $P < 0.05$ .

것으로 나타났다(Table 4).

조사된 집단의 유전학적 거리는 0.041~0.554로서 자연 집단인 추자 집단과 양식 집단인 진도 집단의 유전학적 거리가 가장 가까웠으며, 고성 집단과 울진 집단 간의 거리가 가장 멀게 나타났다. 집단별 이질성 검정을 위한 *Fst*의 범위는 0.008~0.058이었으며, 모든 집단에서 다른 집단들과 유의적인 차이( $P < 0.05$ )를 보였다(Table 5).

## 고 찰

우리나라에서 넙치 양식에 이용되고 있는 어미들은 자연에 서식하고 있는 자연 집단의 일부를 채포하여 인위적 환경에서 사육 관리를 통하여 산란된 알로부터 종묘를 생산하고, 양성하여 그 중에서 다시 어미를 선발하는 과정을 반복해서 만들어져 왔다. 민간 양식업체에서 선발하는 어미들은 집단 내에서 성장이 우수한 선두그룹으로 주로 외형적인 형질만이 고려될 뿐, 각 개체들의 유전적인 조성에 대한 분석을 통해 어미로 가입시킨다거나 각 개체들의 가계정보 등 구체적인 어미 관리 자료를 이용한다는 것은 어려운 실정이다. 따라서 현재의 양식 집단은 세대를 거듭할수록 자연 집단에 비해 유전적 다양성이 현저히 낮아져 있을 것으로 추정되고 있다. 본 연구에서는 어미정보에 대한 구체적인 자료가 없이 관리되고 있는 양식 넙치 집단의 유전학적 다양성이 어느 정도 인지를 파악하고 유전학적 다양성을 회복할 수 있는 기초자료를 얻기 위하여 자연 집단과 비교하였다.

본 연구 결과에서 자연 집단과 양식 집단의 유전자좌별 대립유전자 수는 자연 집단에서 16~27개로 양식 집단의 9~17개보다 높게 나타났으며, 평균 대립유전자 수는 자연 집단이 21.1개, 양식 집단이 9.4개로서 양식 집단의 대립유전자 수는 자연 집단보다 55.4% 낮은 것으로 나타났다. 이러한 결과는 자연산 어미로부터 생산된 인공종묘가 자연 집단에 비해 30.1%와 45.1% 정도 낮았으며, 자연산과 양식산 혼재된 어미로부터 생산된 인공종묘의 대립유전자 수는 그 지역의 자연 집단보다 66.3% 낮은 것으로 나타난

Sekino *et al.* (2002)의 연구 결과와 비슷한 경향을 보였다. 또한 주로 양식이 많이 되고 있는 전북의 경우에서도 자연산 어미로부터 생산된 종묘의 대립유전자수가 자연집단에 비해 35~65% 감소하며, 중국의 양식 전북도 본 연구와 비슷한 결과를 보고하였다(Evans *et al.*, 2004; Li *et al.*, 2007). 실제로 양식용이나 방류용으로 생산되는 넙치는 실내 수조에서 수 십 마리 내외의 어미로부터 자연 산란된 수정란을 이용하여 생산되고 있어 한정된 어미의 사용이 유전적 다양성 감소의 원인으로 작용하고 있다(Carvalho and Haeser, 1994). 뿐만 아니라 넙치의 경우 산란 수조 내에서 1회 산란에 참여하는 어미의 비율은 고작 8~23% 밖에 되지 않으며, 산란 기간 중 6회에 걸쳐 수정란을 채집하여 분석한 결과 수컷의 70%, 암컷의 26%만이 산란에 참여했다는 보고가 있어(Fujii, 2001), 이러한 낮은 산란 참여율 역시 양식 넙치 집단의 유전적 다양성 축소를 더욱 심화시키는 주요한 원인이 된다(Sekino *et al.*, 2003).

조사된 양식 집단의 유전자좌별 평균 이형접합체율(Ho: observed heterozygosity)의 범위는 자연 집단에서 0.851~0.891, 양식 집단에서 0.820~0.848로서 자연 집단이 양식 집단보다 조금 높게 나타났으나 커다란 차이가 없었다. 양식 집단이 자연 집단과 차이가 적은 이유는 인공종묘 생산시에 한정된 수조 내에서 암컷 1마리에 수컷 9마리가 산란에 관여된 것과 같이 수컷이 적극적으로 산란에 참여하여 이형접합체율이 높아진 결과로 추정된다(정 등, 2006). 이러한 결과는 감성돔과 참돔의 인공종묘생산의 경우에서도 보고되고 있다(Perez-Enrique *et al.*, 1999; Jeong *et al.*, 2007).

Markov chain procedure test에 의해 각 집단이 Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE)에 따르는 지를 검토한 결과, 울진과 완도의 양식 집단에서 유의적인 차이( $P < 0.05$ )를 보였으나 조사된 자연 집단에서는 HWE를 따르는 것으로 나타났다. 이러한 원인은 자연 집단에서는 다양한 개체들이 무작위적으로 상호 산란에 관여함으로써 그 집단의 유전적 조성이 변화없이 유지되지만, 양식 집단은 수조 내의 한정된 수의 어미와 또한 이들 중 산란에 적극적으로 참여하는 몇몇 개체의 영향으로, 세대를 거듭하면서 생산된 종묘의 유전학적 조성 등이 유전적 평형에서 벗어나 있는 것으로 사료된다.

본 연구에서 조사된 집단들의 유전학적 거리는 0.041~0.554였으며, 자연 집단인 추자 집단과 양식 집단인 진도 집단의 유전학적 거리가 가장 가까웠으며, 자연 집단인 고성 집단과 양식 집단인 울진 집단 간의 거리가 가장 멀게 나타났다. 정과 전(2008)의 넙치 지역집단의 유전학적 거리는 0.026~0.232로서 본 연구 결과보다 낮게 나타났다. 이러한 결과는 방류된 개체를 포함한 집단과 방류된 넙치를 제외한 것을 자연 집단으로 조사한 본 연구와의 차이로 생각된다.

또한 유전학적 거리 분석에 의해 추자 집단의 유전학적 조성이 양식 집단과 비슷하게 나타난 결과는 최근 추자 지역에서 종묘를 방류하지 않았으나 무안측의 흑화여부로 분리된 방류 넙치의 혼획 비율이 63.5%에 달하는 것으로 조사된 국립수산물과학원의 자료(미발표)와 같이 인근 지역에서 유입된 방류 넙치가 자연산과 또는 방류된 개체들이 자연에서 교배가 일어나는 등 양식 집단의 유입에 의해 자연 집단의 유전적 조성에 영향을 준 것으로 생각된다. 따라서 이러한 원인에 대하여 제주도를 포함한 인근 지역의 넙치 집단의 유전학적 조성 및 구조와 방류 종묘의 이동 등 보다 구체적인 조사가 필요할 것으로 생각된다.

Allendorf and Ryman (1987)의 보고와 같이 양식 집단의 유전적 다양성이 10% 감소할 경우 산란량이 줄어들고, 생존율이 낮아지며 성장률이 저하되는 것으로 알려져 있으나 현재 양식되고 있는 넙치의 유전적 다양성이 세대를 거듭하면서 양식초기 모집단에 비해 어느 정도 감소하였는지에 대해서는 모집단에 대한 정보가 없기 때문에 검토할 수 없으나, 본 연구 결과 자연 집단에 비해 55.4% 낮은 것으로 조사됨으로써 양식 집단의 유전적 다양성을 회복시키기 위한 연구와 근친약세 등에 대한 지속적인 연구가 필요할 것으로 생각된다.

## 요 약

넙치 양식에 이용되는 종묘는 수 세대에 걸친 양식용 어미로부터 생산된 것으로 알려져 있어 넙치 양식 집단의 유전적 다양성은 자연 집단에 비해 크게 낮을 것으로 추정되고 있다. 본 연구는 우리나라에서 양식되고 있는 양식 집단의 유전학적 다양성이 어느 정도인지를 파악하기 위하여 6개의 microsatellite DNA marker를 이용하여 자연 집단과 비교하였다.

본 조사에서 관측된 유전자좌별 대립유전자 수의 범위는 9~27개였으며, 6개의 유전자좌에 따른 각 집단별 평균대립유전자 수는 자연 집단이 19.7~21.8개, 양식 집단이 12.0~14.7개로 나타나, 자연 집단이 21.1개로 양식 집단의 전체 평균 9.4개보다 높게 나타났다. 조사된 집단들의 이형 접합체율( $H_o$ )의 범위는 0.722~0.959이었으며, 유전자좌별  $H_o$ 의 범위는 자연 집단에서 0.755~0.918, 양식 집단에서 0.722~0.959로 자연 집단과 양식 집단 간 커다란 차이는 없었다.

각 유전자좌에 대한 집단별 Markov chain procedure test를 한 결과, 자연 집단에서는 HWE를 따르는 것으로 나타났다. 울진 및 완도 양식 집단의 일부 마커들에서 세대를 거듭하면서 양식 집단의 유전학적 조성 등이 유전적 평형에서 벗어나고 있는 것으로 나타났다( $P < 0.05$ ). 또한 자연

집단인 추자 집단이 양식 집단과 유전적 거리가 가깝게 나타남으로써 방류된 개체들이 상당 부분 자연 집단의 일부로 자리 잡아 자연 집단의 유전적 조성에 영향을 주는 것으로 판단된다. 따라서 양식 집단의 유전적 다양성 회복 및 자연 집단의 유전적 조성의 유지, 보호 등에 대한 지속적인 연구가 필요한 것으로 생각된다.

## 사 사

이 연구는 국립수산물과학원(방류용 건강종묘생산 연구, RP-2009-RE-024)의 지원에 의하여 연구되었으며, 본 연구를 위하여 시료의 채집과 정보를 제공해 주신 어업인들께 감사드립니다.

## 인 용 문 헌

- 농림수산식품부. 2008. 주요 수산 양식품종의 산업동향. p.2.
- 노재구 · 김현철 · 박철지 · 이정호 · 김중현 · 이미숙 · 김우진 · 김경길 · 명정인. 2008. 유전적 다양성이 고려되지 않은 어미관리에 의한 양식넙치 (*Paralichthys olivaceus*)의 유전적 다양성의 변화. 한국어류학회지, 20: 248-254.
- 정달상 · 김광수 · 김경길. 2006. Microsatellite DNA marker를 이용한 넙치, *Paralichthys olivaceus* 방류종묘의 유효어미수 평가. 한국양식학회지, 19: 205-209.
- 정달상 · 전창영. 2008. 종묘방류에 따른 넙치, *Paralichthys olivaceus* 지역집단의 유전학적 구조. 한국어류학회지, 20: 156-162.
- Allendorf, F.W. and N. Ryman. 1987. Genetic management of hatchery stocks. In: Ryman, N. and F. Utter (eds.), Population genetics and fishery management. University of Washington Press, pp. 141-159.
- Carvalho, G.R. and L. Hauser. 1994. Molecular genetics and the stock concept in fisheries. Rev. Fish Biol. Fish., 4: 326-350.
- Evans, B., J. Bartlett, N. Sweijd, P. Cook and N.G. Elliott. 2004. Loss of genetic variation at microsatellite loci in hatchery produced abalone in Australia (*Haliotis rubra*) and South Africa (*Haliotis midae*). Aquaculture, 233: 109-127.
- Fujii, T. 2001. Genetic variability of artificially raised Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*. Fish Gen. Breed. Sci., 30: 23-26. (in Japanese)
- Hara, M. and M. Sekino. 2003. Efficient detection of parentage in a cultured Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* using microsatellite DNA marker. Aquaculture, 217: 107-114.
- Jeong, D.S., E.B. Gonzalez, K. Morishima, K. Arai and T. Umino. 2007. Parentage assignment of stocked black sea bream, *Acanthopagrus schlegelii* in Hiroshima Bay using microsatellite DNA markers. Fish. Sci., 73: 823-830.
- Kim, W.J., K.K. Kim, J.H. Lee, D.W. Park, J.Y. Park and J.Y. Lee.

2003. Isolation and characterization of polymorphic microsatellite loci in the olive flounder (*Paralichthys olivaceus*). Mol. Ecol. Notes, 3: 491-493.
- Kincaid, H.L. 1983. Inbreeding in fish populations used for aquaculture. Aquaculture, 33: 215-227.
- Li, Q., J. Shu, R. Yu and C. Tian. 2007. Genetic variation of cultured populations of the Pacific abalone (*Haliotis discus hannai*) in China based on microsatellites. Aqu. Res., 38: 981-990.
- Liu, Y., S. Chen and B. Li. 2005. Assessing the genetic structure of three Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*) stocks by microsatellite markers. Aquaculture, 243: 103-111.
- Norris, A.T., D.G. Bradley and E.P. Cunningham. 2000. Parentage and relatedness determination in farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*) using microsatellite markers. Aquaculture, 182: 73-83.
- O'Brien, S. and J. Evermann. 1989. Interactive influence of infectious disease and genetic diversity in natural populations. Trends Ecol. Evol., 3: 254-259.
- Perez-Enriquez, R., M. Takagi and N. Taniguchi. 1999. Genetic change and pedigrees tracing of a hatchery-reared stock of red sea bream (*Pagrus major*) used for stock enhancement, based on microsatellite DNA markers. Aquaculture, 173: 413-423.
- Sekino, M., K. Saitoh, T. Yamada, A. Kumagai, M. Hara and Y. Yamashita. 2003. Microsatellite-based pedigree tracing in a Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* hatchery strain: implications for hatchery management related to stock enhancement program. Aquaculture, 221: 255-263.
- Sekino, M., K. Saitoh, T. Yamada, M. Hara and Y. Yamashita. 2005. Genetic tagging of released Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*) based on polymorphic DNA markers. Aquaculture, 244: 49-61.
- Sekino, M., M. Hara and N. Taniguchi. 2002. Loss of microsatellite and mitochondrial DNA variation in hatchery strains of Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*. Aquaculture, 213: 101-122.
- Sugaya, T., M. Ikeda and Y. Fujio. 1999. Comparison for the genetic variabilities of natural and seed populations of Japanese flounder based on PCR-RFLP analysis of mtDNA D-loop. Fish Gen. Breed. Sci., 28: 65-73. (in Japanese)
- Yoshida, K., M. Takagi, M. Tanaka and N. Taniguchi. 2000. Genetic variability and divergence of wild and artificially raised Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* inferred from microsatellite DNA analysis. Fish Gen. Breed. Sci., 29: 93-102. (in Japanese)